

MUTIS

Universidad de Bogotá Jorge Tadeo Lozano
Dirección de Publicaciones
Calle 22 N° 3-30 Módulo 15
Edificio Manrique, Piso 6, Bogotá, Colombia
Tel: (571) 2427030 Exts. 1515-3120

ISSN: 2256-1498

Rectora
CECILIA MARÍA VÉLEZ WHITE

Vicerrectora Académica
MARGARITA MARÍA PEÑA BORRERO

Vicerrectora Administrativa
NOHEMY ARIAS OTERO

Director de Investigación, Creatividad e Innovación
LEONARDO PINEDA SERNA

Decano de la Facultad de Ciencias Naturales e Ingeniería
ISAAC DYNER REZONZEW

Director de Publicaciones
JAIME MELO CASTIBLANCO

Coordinador Editorial
HENRY COLMENARES MELGAREJO

Director de Arte y Diseño
LUIS CARLOS CELIS CALDERÓN

Diagramación
SAMUEL ANDRÉS FERNÁNDEZ CASTRO



MUTIS, Journal of the Faculty of Sciences and Engineering, Jorge Tadeo Lozano University, is licensed under the Creative Commons 4.0: Attribution - Noncommercial - No Derivative Works

Mutis es una publicación semestral de ciencia e investigación de la Universidad Jorge Tadeo Lozano. Los artículos publicados son responsabilidad de sus autores y no comprometen la posición editorial de *Mutis*.

Editores
JAVIER HERNÁNDEZ FERNÁNDEZ
Ciencias Naturales
ALIS YOVANA PATAQUIVA MATEUS
Ingeniería

Comité Editorial
ISAAC DYNER REZONZEW
Universidad Jorge Tadeo Lozano
MICHAEL J. AHRENS
Universidad Jorge Tadeo Lozano
LEONARDO MARIÑO RAMÍREZ
NCBI - National Center for Biotechnology Information,
Bethesda MD, EE. UU.
MYRON SPECTOR
Harvard University, EE. UU.

Comité Científico
MÓNICA PUYANA HEGEDUS
Universidad Jorge Tadeo Lozano
ANDRÉS FELIPE SUÁREZ ESCOBAR
Universidad Jorge Tadeo Lozano
JOSÉ HERNEY RAMÍREZ
Universidad Nacional de Colombia
ALBA GRACIELA ÁVILA
Universidad de los Andes
ANDRÉS FELIPE LÓPEZ
Universidad Libre
SILVIO ALEJANDRO LÓPEZ PASOS
Colegio Mayor de Cundinamarca

CONTENIDO

Vol. 4 N° 1, enero-junio 2014

Editorial

Javier Hernández Fernández

Editor revista *Mutis*

6

ARTÍCULOS DE INVESTIGACIÓN – RESEARCH ARTICLES

Evaluación de un humedal artificial de flujo subsuperficial para el tratamiento de aguas residuales domésticas

Evaluation of a constructed wetland of sub-superficial flow for the treatment of domestic wastewater

Andrés Suárez, Nikolay Agudelo, Jeimmy Rincón y Nohora Millán

8

Análisis de estabilidad de un sistema de fermentación acetona-butanol-etanol (ABE) a partir de glucosa empleando *Clostridium acetobutylicum* ATCC 824

Stability analysis of acetone-butanol-ethanol (ABE) fermentation by *Clostridium acetobutylicum* ATCC 824 with glucose feeding

Laura Johana Castellanos Suárez, Luis Gerónimo Matallana Pérez y Luis Javier López Giraldo

15

Gasificación de bagazo de caña y carbón en planta piloto

Gasification of sugarcane bagasse and coal at pilot plant scale

Robert José Macías Naranjo, Farid Chejne Janna, Jorge Iván Montoya Arbeláez y Adriana Blanco Leal

24

Evaluación de la producción de ácido láctico a partir de cascarilla de arroz por *Lactobacillus delbrueckii*

Evaluation of the production of lactic acid from rice bran by *Lactobacillus delbrueckii*

Jeimmy Proaños y Yineth Piñeros Castro

33

Caracterización *in silico* de las proteínas del choque térmico Hsp70 y Hsp90 de *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) y su posible actividad adaptativa

Computational characterization of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) Hsp70 and Hsp90 heat shock proteins and their adaptive activity possible

Eneida Torres Cabra y Javier Hernández-Fernández

40

ARTÍCULO DE REVISIÓN - REVIEW ARTICLE

Los péptidos antimicrobianos de origen vegetal con un breve enfoque en las proteínas de transferencia de lípidos: minirevisión

Antimicrobial peptides from plants with a brief focus on lipid transfer proteins: mini-review

López-Pazos Silvio Alejandro, Portela Diana-Daniela, Rojas Adriana y Chaparro-Giraldo Alejandro

51

ARTÍCULO CORTO - SHORT COMUNICATION

Establecimiento de plántulas *in vitro* de clones de ajo peruanos (*Allium sativum* L.)

Establishment *in vitro* plants of garlic peruvian variety (*Allium sativum* L.)

Leidy López Quintero, Hugo Escobar Velásquez y Madeleyne Parra Fuentes

62

Instrucciones para autores

67

Cómite evaluador

70

EDITORIAL

¿Cuánto de nuestro genoma es funcional?

En una publicación del 25 de julio de 2014 en la prestigiosa revista *Plos Genetics*, se propuso la siguiente hipótesis: “Un 99% del genoma humano no codifica proteínas, ¿cuánta de esta fracción no codificante de las secuencias de ADN tiene un papel funcional importante?” Al comparar las secuencias del genoma de diferentes especies se identificaron regiones genómicas cuya evolución ha sido inesperadamente lenta, lo que sirve como una señal de la selección natural en la secuencia funcional. A través de este método, investigadores en la Universidad de Oxford lograron estimar que un 8,2% (7,1%–9,2%) del genoma humano es funcional (Rands *et al.*, 2014). Esto contrasta con lo estimado por Encode, un consorcio de varias universidades y grupos de investigación que en 2012 publicó en las revistas *Science* y *Nature*, resultados que permitían concluir que el 80% del genoma tiene funciones bioquímicas.

El proyecto genoma humano se inició en 1990, en una alianza de 20 universidades y centros de investigación de EE. UU., Francia, Japón, China, Reino Unido y Alemania. Su objetivo era, en 15 años, lograr leer y escribir toda la secuencia del ADN, y con ello, mapear todos los genes en cada uno de los 23 cromosomas de la especie *Homo sapiens*, con un presupuesto de \$ 3.000 millones de dólares (National Genome Research Institute, NIH, www.genome.gov/11510905). Un objetivo descabellado, el proyecto más ambicioso en ciencias jamás pensado, solo comparable con la expedición del hombre a la luna. Se cumplió este objetivo dos años antes, en 2003 se obtuvo el primer borrador del genoma humano después de secuenciar, utilizando el método Sanger, 26 veces se secuenció todo el ADN humano, cuyo tamaño fue estimado en 3,2 billones de letras (pares de bases: A, G, C, T), algo así como 200 libros de 1000 páginas. En ese año (2003) los científicos, después de analizar preliminarmente el genoma, concluyeron que únicamente entre el 1-2% codificaba para proteínas, solamente el 1-2% eran genes escritos durante la evolución. El restante 98-99% era basura (*junk*) acumulada, producto del juego del azar durante la historia evolutiva de los *Homo sapiens*.

Desde el año 2003, un consorcio de 32 instituciones y 442 científicos llamado “Encode” (Enciclopedia de los elementos del ADN) trabajó en el descubrimiento de los elementos funcionales del ADN humano, determinando que el 80% del genoma es funcional. Sin embargo, muchos científicos no estuvieron de acuerdo con esta afirmación, dado que la palabra “función” es confusa y demasiado amplia. Encode creó un catálogo, que si se pudiera imprimir como un mural, mediría 16 metros de alto y 30 kilómetros de largo, y se podría guardar en un disco de 15 terabytes de memoria (Maher, 2012). Los elementos funcionales que contiene el genoma, son aquellos que cuando se expresan constituyen la información necesaria para desarrollar todas las células y órganos del cuerpo humano.

Encode diseñó y desarrolló 1.649 experimentos que editaron en 18.500 páginas. Los diferentes ensayos de laboratorio estuvieron relacionados con: i) regiones metiladas del ADN, ii) cromatina abierta, iii) ARN de unión, iv) secuencias de ARN, v) ChiP-seq, técnica que revela dónde se unen proteínas al ADN, vi) histonas modificadas, proteínas que empaquetan el ADN en cromosomas y se modifican por marcadores químicos y, vii) factores de transcripción, proteínas que se unen al ADN y regulan la transcripción. En fin, Encode trabajó juiciosa, rigurosa y sistemáticamente hasta el año 2012, mapeando las regiones de transcripción, la asociación a factores de transcripción, la estructura de la cromatina y la modificación de histonas, lo que le permitió asignar funciones bioquímicas al 80% del genoma (Consortio Encode, 2012). Se encontraron puntos de llegada para las proteínas que influyen en la actividad de los genes, hebras de ARN con multitud de funciones y lugares en los que las modificaciones químicas sirven para silenciar tramos de nuestros cromosomas (Pennisi, 2012). Encode contó con un presupuesto de 288 millones de dólares y representó un paso gigante en la comprensión de nuestra esencia genética. La comunidad científica y académica ha recibido los resultados de este proyecto con beneplácito, pero también con dudas metódicas.

De otra parte, investigadores de la Universidad de Oxford (Rands *et al.*, 2014) analizaron partes de nuestro genoma y lograron observar que se ha evitado acumular mutaciones en los últimos 130 millones de años. Esto se debe a bajas tasas de evolución genómica. Los investigadores concluyeron que esto era una indicación de que una secuencia es importante, es decir, tiene una cierta función que debe ser retenida o mantenida. En particular,

ellos estaban buscando inserciones o deleciones de secuencias de ADN dentro de las diversas especies de mamíferos, entre ellas: humanos, caballos, cobayos, ratones, perros, etc. Si bien las mutaciones ocurren al azar en toda la secuencia, los investigadores no esperaban que esto sucediera en las secuencias o partes del genoma en el que la selección natural actúa para preservar.

Los investigadores de Oxford encontraron que el 92% de nuestro ADN es material sobrante (Junk) que ha sido sometido a grandes pérdidas o ganancias con el tiempo. Sin embargo, se ratifica la conclusión del proyecto genoma humano en cuanto a que solo el 1% de nuestro ADN contiene genes que codifican las proteínas que componen nuestro cuerpo, y juegan un papel crítico en los procesos biológicos. Estos genes codificadores de proteínas están conservados a través de las diferentes especies de mamíferos estudiadas (1%), el 7% de ADN restante, que es funcional de acuerdo al grupo de Oxford, está representado en cambios que experimentan las regiones reguladoras en un alto porcentaje, con secuencias de ADN que con frecuencia se insertan o se pierden con el tiempo. Esta evolución dinámica es inesperada, la mayoría de los cambios en el genoma se produjeron durante la evolución, dentro de lo que se llamado ADN "basura" (Rands *et al.*, 2014).

Al parecer nuestra comprensión y conocimiento del genoma humano está muy lejos de ser una historia culminada, es más, podríamos decir que sabemos muy poco sobre el tema, particularmente sobre ARN no codificantes, secuencias regulatorias y maduración alternativa de la transcripción.

Hoy el conocimiento nos dice que el 91,8% del genoma no ha presentado evidencias que manifiesten o aseguren una función biológica en los humanos. Esta conclusión debe tomarse con beneficio de inventario, ya hemos tenido en el lapso de 11 años, tres teorías. ¿Tendremos que esperar por una cuarta? El conocimiento se construye con base en refutaciones y es conjetural, un estado para la crítica y el análisis.

En general la vida en el planeta no ha sido creada, no ha sido diseñada, ha evolucionado a través de millones de años... y esto es un proceso complicado en sí mismo, por lo tanto, difícil de dilucidar.

Javier Hernández Fernández
Editor Ciencias Naturales
Revista Mutis

Referencias

- Rands, C. M., Meader, S., Ponting, C. P., Lunter, G. (2014). 8.2% of the Human Genome Is Constrained: Variation in Rates of Turnover across Functional Element Classes in the Human Lineage. *PLoS Genetic* 10(7): e1004525. doi:10.1371/journal.pgen.1004525
- Maher, B. (2012). The human encyclopedia, making a genome manual. *Nature*, 489: 7414, p. 46.
- The ENCODE Project Consortium. (2012). An integrated encyclopedia of DNA elements in the human genome. *Nature*, 489: 7414, p. 57.
- Pennisi, E. (2012). Genomics: ENCODE Project writes eulogy for junk DNA. *Science* 337: 1159. (<http://dx.doi.org/10.1126/science.337.6099.1159>).